

7. Дорошенко С.А., Дорошенко А.В., Орехов Г.В. Определение ветровой нагрузки на трехмерные конструкции с помощью моделирования в аэродинамической трубе // Вестник МГСУ, 2012. – № 7. – С. 69–74.

8. Кошин А.А. Анализ динамического воздействия воздушного потока на тандем моделей высотных зданий // Вестник ТГАСУ, 2014. – № 2. – С. 134–141.

9. Кошин А.А., Коробков С.В., Гныря А.И., Терехов В.И. Моделирование вихревой структуры и ветровых нагрузок при нелинейном расположении двух квадратных призм // Сборник докладов: Всероссийская конференция «XXXI Сибирский теплофизический семинар», посвященный 100-летию со дня рождения академика С.С. Катутеладзе. – Новосибирск: Изд-во Института теплофизики СО РАН, 2014. – С. 78–84.

ИССЛЕДОВАНИЕ НАРУШЕНИЯ СУПЕРСИММЕТРИИ И ЭВОЛЮЦИИ ГЕНОМОВ

Я.В. Гребнев, М.Г. Садовский

ФГАОУ ВО «Сибирский федеральный университет», г. Красноярск

e-mail: yaroslav.grebnev@gmail.com

ФГБУН «Институт вычислительного моделирования Сибирского отделения

Российской академии наук», г. Красноярск

e-mail: msad@icm.krasn.ru

INVESTIGATION OF THE VIOLATION OF SUPERSYMMETRY AND THE EVOLUTION OF GENOMS

Y. V. Grebnev, M. G. Sadovskiy

Siberian Federal University, Krasnoyarsk

e-mail: yaroslav.grebnev@gmail.com

Institute of Computational Modeling of Siberian Branch of Russian Academy of sciences,

Krasnoyarsk, e-mail: msad@icm.krasn.ru

Abstract: Some preliminary results are provided towards the study of the violation of genomic super-symmetry; that latter is the so called Second Chargaff's rule. The rule stipulates that oligonucleotides that could be read equally in opposite directions with respect to the symbol change according to the complementary law (complementary palindromes) should exhibit pretty close frequency. We have checked the genomes of organisms of various taxa ranging from viruses via bacteria, yeasts, animals, plants, etc.; more than 1500 genetic sequences had been studied, totally. The measure for the second rule violation was calculated for a single strand. Both intragenomic, and intergenomic studies have been carried out. It was found that intragenomic variability decays, as the length of string grows up. The intergenomic variability is comparable to the intragenomic one, for considerably short strings.

Key words: palindromes, frequency, classification, correlation, taxonomy, evolution.

Введение

В настоящее время, несмотря на существенные успехи современной генетики, по-прежнему остаются не до конца изученными механизмы нарушения суперсимметрии в геномах. Впервые симметрия пуриновых и пиримидиновых оснований в двойной спирали ДНК была открыта Эрвином Чаргаффом в 1950 году [1], данное правило было названо в честь его первооткрывателя и получило название 1-го правила Чаргаффа. Позднее было обнаружено что данное правило справедливо и в рамках одного стренда ДНК, это правило получило название 2-го правила Чаргаффа [2]. Нарушение второго правила Чаргаффа в большинстве случаев зависит от длины анализируемого участка генома и могут характеризовать сам геном. Для оценки нарушения второго правила Чаргаффа могут применяться два подхода: межгеномное сравнение и внутригеномное сравнение. Настоящая работа посвящена последовательному применению обоих подходов. Мы сравнивали геномы различных организмов, затем проводи-

ли сравнение отдельных хромосом, затем отдельные участки хромосом сравнивали между собой.

Основная цель настоящей работы — оценка степени нарушения второго правила Чаргаффа в геномах различных организмов.

Материалы и методы

В настоящей работе нарушения второго правила Чаргаффа определялось путем расчетов невязки характеризующей величину нарушения второго правила Чаргаффа, на уровне триплетов, тетраплетов и олигомеров длиной до 8 нуклеотидов для геномов: вирусов, дрожжей, растений и животных. Геномы для расчетов были взяты из EMBL банка данных (<http://www.ebi.ac.uk/genomes/>). Далее, каждая хромосома в геноме последовательно разделялась на набор непересекающихся фрагментов одинаковой длины; число фрагментов менялось от 2 до 1024. При этом любые два соседних фрагмента шли «встык», не имея зазора между собой, после чего проводились соответствующие расчеты невязки.

Результаты и обсуждение

Таблица 1. Нарушение невязки у геномов различных организмов. Величина невязки (1) для различных организмов; N_1 — количество исследованных организмов; N_2 — количество исследованных нуклеотидов, млн. пар; μ_{\min} — минимальное значение невязки; μ_{\max} — максимальное значение невязки; $\langle \mu \rangle$ — среднее значение невязки σ_μ — стандартное отклонение

Организм	N_1	N_2	$\mu_{\min} \times 10^6$	$\mu_{\max} \times 10^2$	$\langle \mu \rangle \times 10^2$	$\sigma_\mu \times 10^3$
Ashbya gossypi	7	9095747	4,1767600	0,74800000	0,0508000	0,474000
Aspergillus fumigatus	8	29384958	2,5095100	0,15261870	0,0163000	0,155000
Aspergillus niger	19	33975768	2,9484400	0,55338040	0,0380000	0,246000
Aspergillus nuidilans	8	29828291	2,5080100	0,18392510	0,0193000	0,102513
Candida albicans	9	12061552	3,1211000	0,28585600	0,0328000	0,149000
Candida dublinesis	8	14618422	3,2505800	0,18711890	0,0225000	0,133100
Candida glabrata	13	12318245	4,8216400	0,39477620	0,0437000	0,183616
Cryptococcus JEC21	14	19051922	3,6409500	0,30546400	0,0270489	0,159054
Fusarium oxysporum	15	57720560	3,6954100	0,27849940	0,0257665	0,159516
Lachancea kluyveri	8	10394259	3,8284100	0,41620820	0,0460825	0,236253
Lachancea thermotolerans	8	9705144	4,2600000	0,17290000	0,0242000	0,103000
Pichia	8	15441179	3,0831100	0,24417120	0,0276118	0,124950
Schizosaccharomyces pombe	3	12495682	2,3659500	0,13228910	0,0193245	0,0077696
Schizosaccharomyces pombe (штамм 2)	3	12571820	2,3591500	0,13612510	0,0180149	0,0088554
Yarrowia lipolytica	6	20502981	2,8100000	0,13650000	0,0167000	0,0070900
Zygosaccharomyces	7	9764635	4,2600000	0,23900000	0,0363000	0,1140000
African cassava mosaic virus	3	8273	105,00000	4,23000000	0,7672000	0,7938000

В результате проделанной работы нами получены данные представленные в таблице 1, которые свидетельствуют об экспоненциальном убывании невязки с ростом толщины словаря для различных таксономических групп. Наибольшее количество нарушений второго правила Чаргаффа наблюдается у вирусов, бактерий и митохондрий. Геномы исследованных растений и животных имеют менее выраженные нарушения второго правила Чаргаффа.

Также анализ данных позволяет сделать заключение, что внутривидовая изменчивость по такому показателю, как уровень нарушения второго правила Чаргаффа заметно ниже, чем межвидовая, для исследованных геномов.

Полученные результаты косвенно опровергают одну из гипотез происхождения второго правила Чаргаффа [2], а именно гипотезу удвоений. Согласно этой гипотезе, второе правило Чаргаффа возникло в результате серии удвоений длинных и сверхдлинных участков ДНК.

ЛИТЕРАТУРА

1. Albrecht-Bühler G. Inversions and inverted transpositions as the basis for an almost universal “format” of genome sequences // *Genomics*, 2008, vol.90, pp. 297 – 305.
2. Nikolaou C, Almirantis Y. Deviations from Chargaff's second parity rule in organellae DNA Insights into the evolution of organellae genomes. // *Gene*, 2006; 381:34-41.
3. Mitchell D. GC content and genome length in Chargaff compliant genomes. // *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 2007; 353(1):207-10.

РАЗРАБОТКА ОНЛАЙН-СЕРВИСА СКОРОЧТЕНИЯ

А.В. Гусаров

*(г. Новокузнецк, Новокузнецкий институт (филиал)
ФГБОУ ВО «Кемеровский государственный университет»)
E-mail: zenamp@gmail.com*

DEVELOPMENT OF THE SPEEDREADING ONLINE-SERVICE

A.V. Gusarov

(Novokuznetsk, Novokuznetsk Institute (branch) of the Kemerovo State University)

Abstract: This article examines reasons for development of the online-service speed reading powered by Spritz technology.

Keywords: Spritz, online-service, multiplatform, web-application, development.

За последний десяток лет произошло резкое увеличения числа источников информации, появление большинства из которых обязано развитию информационных технологий и сети Интернет. У человека нашего времени просто нет физической возможности успевать за всем. По мнению автора статьи, разработка сервиса поможет увеличить объем воспринимаемого контента, в данном случае контента, представленного в текстовом виде.

Разрабатываемый онлайн-сервис реализует в себе технологию скорочтения “Spritz”[1], автором которой является Cameron Boehmer. Автор статьи на Geektimes[2], пишет о том, что ему “удалось без подготовки читать со скоростью 500 слов в минуту” используя Spritz.

Во время чтения при использовании данной технологии не требуется перемещать взгляд от одного слова к другому, на что тратиться большое количество времени. Как описано в статье “Spritz Speed Reading App: 5 Fast Facts You Need to Know” [3], в процессе чтения взгляд фиксируется в центре области (Рис. 1). Далее в данной области будет производиться